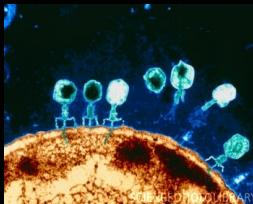


Introducción a la Inferencia Filogenética – las especies y genomas microbianos

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica. TIB2019, Julio-Agosto 2019
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

Conceptos de filo-informática para investigación en genómica, ecología y evolución microbiana

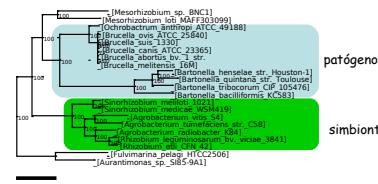
Pablo Vinuesa, Centro de Ciencias Genómicas - UNAM
vinuesa [at] ccg . unam . mx
<http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/>



La relación entre filogenética y evolución molecular:

- La **filogenética** tiene por objetivo el **trazar la relación ancestro descendiente de los organismos** (árbol filogenético) a diferentes niveles taxonómicos, incluyendo el árbol universal, haciendo una reconstrucción de esta relación en base a diversos **caracteres homólogos**, tanto **morfológicos** como **moleculares**.

Las hipótesis filogenéticas resultantes son la base para hacer **predicciones** (inferencias) sobre propiedades biológicas de los grupos revelados por la filogenia mediante el mapeo de caracteres sobre la topología (hipótesis evolutiva). También proveen el contexto comparativo para poder inferir patrones de **evolución molecular**.



¿Porqué estudiar filogenética y evolución molecular?

Corolario I:

"Nothing in biology makes sense except in the light of evolution"
- Theodosius Dobzhanski, 1973
(*The American Biology Teacher* 35:125)

Corolario II:

"Nothing in evolutionary biology makes sense except in the light of a phylogeny"
- Jeff Palmer, Douglas Soltis, Mark Chase, 2004
(*American J. Botany* 91: 1437-1445)



Parte I: Introducción a la Inferencia Filogenética

Conceptos básicos:

- * filogenia, evolución molecular, homología y (pan)genómica microbiana
- * tasas de evolución y selección de marcadores moleculares

Libros de referencia recomendados:

- Felsenstein, J., 2004. Inferring phylogenies. Sinauer Associates, INC., Sunderland, MA.
Futuyma, D.J. 2017. Evolution, 4th Ed. Sinauer Associates, INC., Sunderland, MA.
Graur, D., Li, W.H. 2000. Fundamentals of Molecular Evolution. Sinauer Associates, Inc., Sunderland.
Lemey, P., Salemi, M., Vandamme, A.M. 2010. The phylogenetic Handbook. Cambridge Univ. Press. UK
Keith, Jonathan M. (Ed.) Bioinformatics: Volume I: Data, Sequence Analysis, and Evolution (Methods in Molecular Biology) <https://www.springer.com/gp/book/9781493966202>
Nei, M., Kumar, S., 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, Inc., NY.
Page, R.D.M., Holmes, E.C., 1998. Molecular Evolution - A Phylogenetic Approach.
Blackwell Science Ltd, Oxford.
Yang, Z., 2014. Molecular Evolution - a statistical approach. Oxford University Press, Oxford, UK

Evolución de la filogenética como disciplina científica



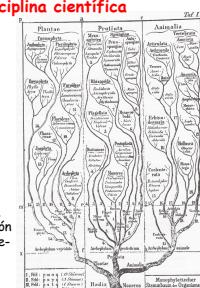
Los primeros intentos de reconstruir la historia filogenética estaban basados en pocos o ningún criterio objetivo.

Reflejaban las ideas o hipótesis plausibles generadas por expertos de grupos taxonómicos particulares.



La mayor parte de la 1a. mitad del SXIX los sistemáticos estaban más preocupados por el problema de definir a las especies biológicas, descubrir mecanismos de especiación y la variación geográfica de las especies, que en entender su filogenia.

No fue hasta los 40's y 50's que los esfuerzos de individuos como Walter Zimmermann y Willi Henning comenzaron a definir métodos objetivos para reconstruir filogenias en base a caracteres compartidos entre organismos fósiles y contemporáneos.

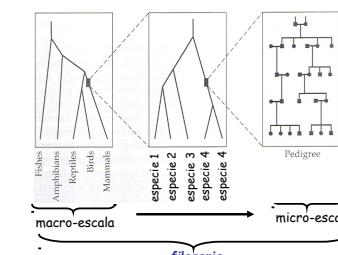


Filogenia y clasificación de la vida tal y como la propuso Ernst von Haeckel en 1866



El concepto de filogenia y homología: definiciones básicas

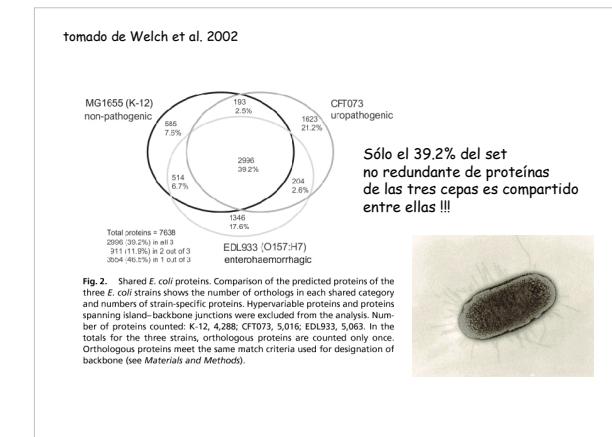
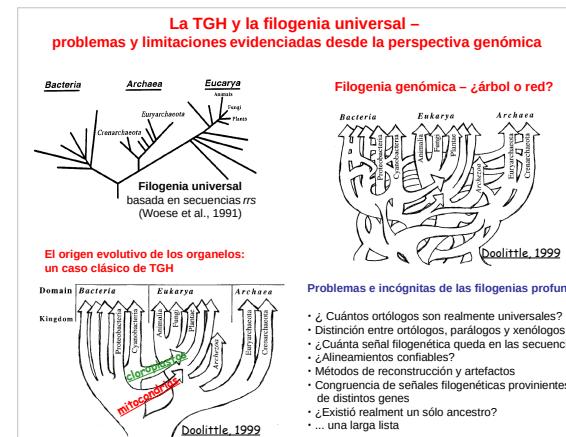
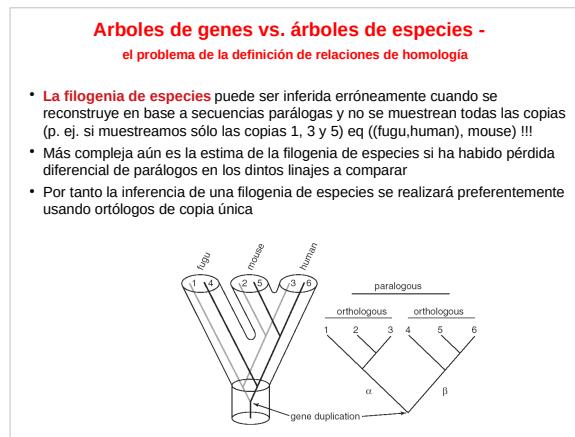
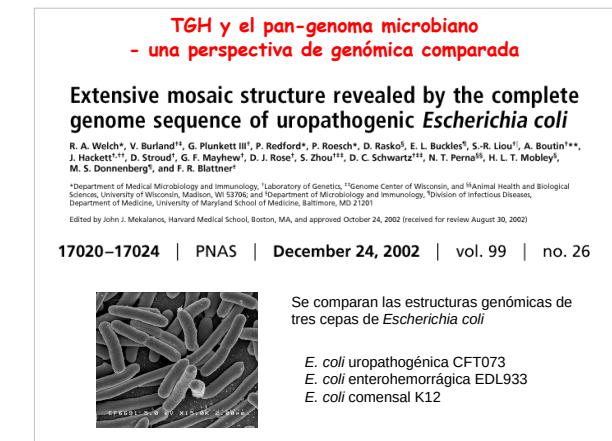
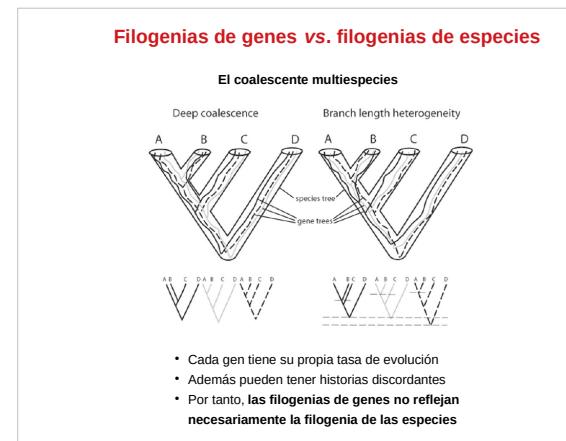
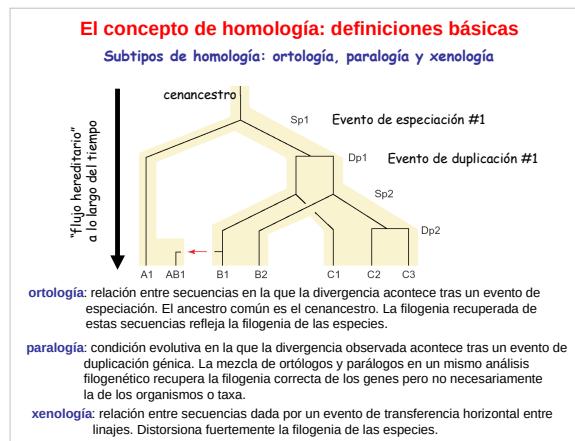
"The stream of heredity makes phylogeny; in a sense, it is phylogeny. Complete genetic analysis would provide the most priceless data for the mapping of this stream".
G.G. Simpson (1945)



Filogenia: historia evolutiva del flujo hereditario a distintos niveles evolutivos/temporales, desde la genealogía de genes en poblaciones (micro-escala; dominio de la genética de poblaciones) hasta el árbol universal (macro-escala)

Introducción a la Inferencia Filogenética – las especies y genomas microbianos

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica. TIB2019, Julio-Agosto 2019
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>



Introducción a la Inferencia Filogenética – las especies y genomas microbianos

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica. TIB2019, Julio-Agosto 2019
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

Selección de marcadores adecuados para hacer inferencias evolutivas a distintos niveles de profundidad filogenética

Restricciones funcionales vs. tasas de sustitución:

- Existe gran variabilidad en la tasa de sustitución entre genes y dominios génicos:
 - intrones vs. exones
 - regiones codificadoras vs. regiones intergénicas o pseudogenes
 - residuos catalíticos vs. no catalíticos, dominios estructurales vs. no estructurales
 - 3as. posiciones vs. 1as y 2as en codones de secuencias codificadoras,
 - asas vs. orquíllas en rRNAs y tRNAs ...
 - Existen genes de evolución muy rápida o muy lenta:
 - fibrinopéptidos evolucionan una tasa x900 > a la de ubiquitina y x20 > citocromo c
 - genes de HIV evolucionan a $\times 10^4$ veces la tasa de un gen humano promedio!

• Tasas de evolución y la teoría neutral de evolución molecular

el reloj molecular, calibración y datación de eventos de especiación/extinción de linajes y de pandemias ...

